
Ano Letivo 2018-19

Unidade Curricular GENÓMICA FUNCIONAL

Cursos BIOQUÍMICA (1.º ciclo)

Unidade Orgânica Faculdade de Ciências e Tecnologia

Código da Unidade Curricular 14921116

Área Científica BIOQUÍMICA

Sigla

Línguas de Aprendizagem
Português

Modalidade de ensino
Presencial

Docente Responsável José Manuel Peixoto Teixeira Leitão

DOCENTE	TIPO DE AULA	TURMAS	TOTAL HORAS DE CONTACTO (*)
José Manuel Peixoto Teixeira Leitão	PL; T	T1; PL1	20T; 10PL
Eduardo José Xavier Rodrigues de Pinho e Melo	PL; T	T1; PL1	10T; 10PL

* Para turmas lecionadas conjuntamente, apenas é contabilizada a carga horária de uma delas.

ANO	PERÍODO DE FUNCIONAMENTO*	HORAS DE CONTACTO	HORAS TOTAIS DE TRABALHO	ECTS
3º	S1	30T; 20PL	168	6

* A-Anual; S-Semestral; Q-Quadrimestral; T-Trimestral

Precedências

Sem precedências

Conhecimentos Prévios recomendados

Bioquímica e Biologia ou Genética Molecular.

Objetivos de aprendizagem (conhecimentos, aptidões e competências)

Pretende-se que os alunos obtenham conhecimentos relativamente sólidos e muito atuais nas áreas de Genómica, Transcriptómica e Proteómica, e com uma visão alargada da multiplicidade de aplicações de implicações dos conhecimentos nestas áreas do saber

Conteúdos programáticos

A organização dos genomas procariotas e eucariotas. Estabilidade, recombinação e mutação dos genomas. Sequenciação massiva paralela vs. sequenciação por Sanger. Diferentes estratégias de sequenciação de genomas. Os marcadores DNA. Mapas genéticos e mapas físicos. Clonagem de genes referenciados pelo seu impacto no fenótipo. As bases de dados genómicas. Bibliotecas genómicas e bibliotecas de expressão. Do dot-blot aos microarrays. Differential display e técnicas substractivas. A técnica do cDNA_AFLP. A RNAseq. O PCR em tempo real. A modulação epigenética.

Um genoma, vários proteomas. Resolução de misturas complexas de proteínas por técnicas cromatográficas e géis 2D. Técnicas de digestão de proteínas em péptidos. Proteómica quantitativa: marcação com isótopos (ICAT) ou sondas fluorescentes (DIGE). Análise de massa e sequência de péptidos por espectrometria de massa. Identificação de modificações pos-tradução. Arrays proteicos.

Metodologias de ensino (avaliação incluída)

O curso consiste em aulas teóricas, onde utilizando apresentações em power point, vídeos e outro material online são abordados os aspetos mais importantes da matéria, em aulas práticas onde alunos desenvolvem pequenos projetos (engenharia genética de plantas, análise de similaridade genética por RAPDs, etc.) e em seminários, onde os alunos apresentam e discutem artigos científicos. A avaliação é feita em dois testes durante o período de aulas e em exame final (80% da classificação final). Para a classificação dos alunos contribui a apresentação e defesa do relatório das aulas práticas e a sua performance nos seminários, cada componente com 10%. As notas obtidas nas aulas práticas e seminários caducam no final do ano académico.

Bibliografia principal

1. Apresentações "power point" das aulas teóricas.
2. Protocolos das aulas práticas.
3. Artigos apresentados nas aulas disponíveis na tutoria eletrónica.
4. Bookshelf do ncbi (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/>)
5. Artigos de revisão (vários) sobre assuntos específicos (p.ex. Microarrays, RNA seq, etc)
6. Brown TA. Genomes 3, Garland Sciences, 2006.
7. Liebler, D.C., Introduction to Proteomics, Humana Press, New Jersey, 2002.8. Veenstra, T.D. and Yates III, J.R., Proteomics for Biological Discovery, John Wiley & Sons, New Jersey, 2006.9. Campbell, A. and Heyer, L., Discovering Genomics, Proteomics and Bioinformatics, Benjamin Cummings, 2006.

Academic Year 2018-19

Course unit FUNCTIONAL GENOMICS

Courses BIOCHEMISTRY (1st Cycle)

Faculty / School Faculdade de Ciências e Tecnologia

Main Scientific Area BIOQUÍMICA

Acronym

Language of instruction
Portuguese

Teaching/Learning modality
Face to face learning

Coordinating teacher José Manuel Peixoto Teixeira Leitão

Teaching staff	Type	Classes	Hours (*)
José Manuel Peixoto Teixeira Leitão	PL; T	T1; PL1	20T; 10PL
Eduardo José Xavier Rodrigues de Pinho e Melo	PL; T	T1; PL1	10T; 10PL

* For classes taught jointly, it is only accounted the workload of one.

Contact hours

T	TP	PL	TC	S	E	OT	O	Total
30	0	20	0	0	0	0	0	168

T - Theoretical; TP - Theoretical and practical ; PL - Practical and laboratorial; TC - Field Work; S - Seminar; E - Training; OT - Tutorial; O - Other

Pre-requisites

no pre-requisites

Prior knowledge and skills

Biochemistry and Molecular Biology or Molecular Genetics

The students intended learning outcomes (knowledge, skills and competences)

Students are supposed to acquired a broad and solid theoretical knowledge and basic practical skills in the field of Genomics, Transcriptomics and Proteomics anda broad perspective of the multiplicity of the aplications and implications of this scientific field.

Syllabus

Genome organization: prokaryotic and eukaryotic genomes. Genome stability, recombination and mutation. Different strategies for genome sequencing. Next generation sequencing techniques vs. Sanger sequencing. DNA markers. Genetic and physical maps. Cloning of genes uniquely recognisable by their phenotypic expression. Genomic databases. Genomic and expression libraries. From dot-blot to microarrays. Differential display and subtractive techniques. Other techniques: e.g. cDNA-AFLP. The RNAseq. Real time PCR. Epigenetic modulation.

One genome, multiple proteomes. Resoltution of complex mixes of proteins via cromatography ans 2D gels. Digstion of proteins into polypeptides. Quantitative proteomics: istop (ICAT) and flurescent labelling (DIGE). Mass spectrometry analysis of protein mass and protein sequences. Identification of post-tralational modifications. Protein arrays.

Teaching methodologies (including evaluation)

This course consists on theoretical classes where the main issues are explained using power point presentations, scientific videos and other online;materials and on practical classes were students develop small projects, and by seminars where students present and discuss scientific papers. Students evaluation is done in two tests during the classes or final examination (80% of the classification). The reports of practical classes and performanc in the seminars contribute respectively with 10% each for the final classification. Classification marks obtained in practical classes and seminars expire at the end of the academic year.

Main Bibliography

1. Class power point presentations.
2. Protocols of practical classes.
3. Articles presented and discussed in the seminars.
4. NCBI bookshelf (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/>)
5. Up to date review articles on multiple topics covered in the classes.
6. Brown TA. Genomes 3, Garland Sciences, 2006.
7. Liebler, D.C., Introduction to Proteomics, Humana Press, New Jersey, 2002. 8. Veenstra, T.D. and Yates III, J.R., Proteomics for Biological Discovery, John Wiley & Sons, New Jersey, 2006. 9. Campbell, A. and Heyer, L., Discovering Genomics, Proteomics and Bioinformatics, Benjamin Cummings, 2006.